

XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o
Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o
Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a
Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U III Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a
Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a
Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a
Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Avaliação de população segregante RC₃ de *Passiflora* para resistência ao CABMV (cowpea aphid-borne mosaic virus)

Julie Anne Vieira Salgado de Oliveira, Natan Ramos Cavalcante, Luis Carlos Loose Coelho, Débora Souza Mendes, Alexandre Pio Viana

O maracujá é uma fruta amplamente aceita no mercado, sendo importante para o setor agrícola brasileiro, que em 2020 produziu 690.364 toneladas da fruta, tendo o Brasil como seu maior produtor e consumidor. A virose do endurecimento dos frutos, causada pelo cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) no Brasil, é um dos principais fatores que limitam a expansão da área cultivada, mesmo assim ainda não existe uma cultivar de maracujá-azedo resistente a virose. Com isso, pesquisadores da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) desenvolveram o programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando à resistência ao CABMV, obtendo híbridos interespecíficos entre *Passiflora edulis* e *Passiflora setacea*. Com esse trabalho tem-se o avanço da terceira geração de retrocruzamento (RC₃) do maracujazeiro, visando o desenvolvimento de cultivares resistentes ao CABMV. Foram utilizados marcadores microssatélites para monitorar a variabilidade genética da população segregante, bem como, uma escala de notas, nas folhas jovens, na distribuição dos sintomas da virose em toda a área ocupada pela planta e as avaliações feitas quinzenalmente, por 365 dias. A partir das avaliações foram selecionados 93 genótipos com variadas áreas abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), a cultivar comercial, a espécie silvestre e um parental disponível para serem feitas as análises moleculares. Como esperado, o genótipo que mais se distanciou foi a espécie silvestre, o método UPGMA indicou a formação de 4 grupos, enquanto a análise bayesiana indicou a distinção dos genótipos em apenas dois grupos, devido aos indivíduos compartilharem a maioria das regiões genômicas analisadas, uma vez que é uma população RC₃. Com isso, há a oportunidade de gerar informações inéditas e de alto impacto científico, possibilitando gerar informações técnicas e científicas que darão suporte ao desenvolvimento da primeira cultivar de maracujazeiro resistente ao CABMV obtida, possibilitando a expansão da cultura e geração de emprego e renda.

Instituição do Programa de PG: UENF

Eixo temático: Genética e Melhoramento de Plantas

Fomento da bolsa (quando aplicável): FAPERJ

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28^o
Encontro de Iniciação Científica da UENF

20^o
Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16^a
Jornada de Iniciação Científica da UFF



U III Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23^a
Mostra de Pós-Graduação da UENF

8^a
Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8^a
Mostra de Pós-Graduação da UFF

Evaluation of *Passiflora* RC₃ segregating population for resistance to CABMV (cowpea aphid-borne mosaic virus)

Julie Anne Vieira Salgado de Oliveira, Natan Ramos Cavalcante, Luis Carlos Loose Coelho, Débora Souza Mendes, Alexandre Pio Viana

Passion fruit is a widely accepted fruit in the market, being important for the Brazilian agricultural sector, which in 2020 produced 690,364 tons of the fruit, with Brazil as its largest producer and consumer. The fruit-hardening virus, caused by the cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) in Brazil, is one of the main factors that limit the expansion of the cultivated area; even so, there is still no virus-resistant sour passion fruit cultivar. As a result, researchers from the Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) developed a passion fruit genetic improvement program aimed at resistance to CABMV, obtaining interspecific hybrids between *Passiflora edulis* and *Passiflora setacea*. This work advances the third generation of backcrossing (RC₃) for passion fruit, aiming at the development of cultivars resistant to CABMV. Microsatellite markers were used to monitor the genetic variability of the segregating population, as well as a rating scale, in young leaves, in the distribution of virus symptoms throughout the area occupied by the plant, and evaluations were carried out every two weeks, for 365 days. Based on the evaluations, 93 genotypes with different areas under the disease progress curve were selected, also the commercial cultivar, the wild species, and an available parent for molecular analysis. As expected, the genotype that most distanced itself was the wild species; the UPGMA method indicated the formation of four groups, while the Bayesian analysis indicated the distinction of genotypes in only two groups, due to the individuals sharing most of the analyzed genomic regions, one since it is an RC₃ population. With this, there is an opportunity to generate unprecedented information of high scientific impact, making it possible to generate technical and scientific information that will support the development of the first CABMV-resistant passion fruit cultivar obtained, enabling the expansion of the crop and the generation of employment and income.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

